

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets



(11) **EP 1 094 111 A2**

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
25.04.2001 Patentblatt 2001/17

(51) Int. Cl.⁷: **C12N 15/60**, C12N 15/53,
C12N 9/88, C12N 1/21,
C12P 13/08, C12P 13/04
// C12R1/15

(21) Anmeldenummer: 00121715.7

(22) Anmeldetag: 05.10.2000

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU
MC NL PT SE
Benannte Erstreckungsstaaten:
AL LT LV MK RO SI

• FORSCHUNGSZENTRUM JÜLICH GMBH
52425 Jülich (DE)

(30) Priorität: 20.10.1999 DE 19950409

(71) Anmelder:
• Degussa-Hüls Aktiengesellschaft
60287 Frankfurt am Main (DE)

(72) Erfinder:
• Elkmanns, Bernhard, Prof. Dr.
89081 Ulm (DE)
• Riedel, Christian
89233 Neu-Ulm (DE)
• Sahm, Hermann, Prof.
52428 Jülich (DE)
• Möckel, Bettina, Dr.
40597 Düsseldorf (DE)

(54) Für Pck codierende Nukleotidsequenzen

(57) Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien enthaltend eine Polynukleotidsequenz das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für das Polypeptid codiert, das durch das in dem hinterlegten E.coli-Stamm DSM 13047 auf Vektor pK19mobsacBΔpck enthaltene pck-Gen exprimiert wird.

EP 1 094 111 A2

Beschreibung

[0001] Gegenstand der Erfindung sind für das pck-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin und L-Threonin, durch Abschwächung des pck-Gens.

Stand der Technik

[0002] Aminosäuren, insbesondere Lysin und Threonin finden in der Tierernährung, in der Lebensmittelindustrie, in der pharmazeutischen Industrie und in der Humanmedizin Anwendung.

[0003] Es ist bekannt, daß diese Stoffe durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien insbesondere Corynebacterium glutamicum hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellungsverfahren gearbeitet. Verfahrensbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie z.B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z.B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch z.B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

[0004] Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Stoffwechselprodukte sind und die gewünschte Aminosäure produzieren.

[0005] Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure produzierenden Stämmen von Corynebacterium eingesetzt.

Aufgabe der Erfindung

[0006] Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren der Öffentlichkeit zur Verfügung zu stellen.

Beschreibung der Erfindung

[0007] Aminosäuren, insbesondere L-Lysin und L-Threonin, finden in der Tierernährung, in der Lebensmittelindustrie, in der pharmazeutischen Industrie und in der Humanmedizin Anwendung. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran, neue verbesserte Verfahren zur Herstellung dieser Produkte bereitzustellen.

[0008] Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

b) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für das genannte Polypeptid codiert und auf dem Plasmid pEK-pckA (Abb. 1) bzw. pEK-pckB (Abb. 2) enthalten ist,

c) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,

d) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a), b) oder c), und

e) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b), c) oder d).

[0009] Gegenstand der Erfindung ist ebenso eine in coryneformen Mikroorganismen replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest die Nukleotidsequenz enthält, die für das pck-Gen, dargestellt in der SEQ ID No. 1, codiert.

[0010] Gegenstand ist ebenfalls eine replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 enthaltend:

(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder

(iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und/oder gegebenenfalls

(iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

[0011] Weitere Gegenstände sind

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleotidsequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt,

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält

ein Vektor, enthaltend das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, insbesondere pEK-pckA oder pEK-pckB, dargestellt in den Figuren 1 und 2

und als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, in die die Δ pck-Deletion eingebaut wurde.

[0012] Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank, die das vollständige Gen mit der Polynukleotidsequenz entsprechend SEQ ID No. 1 enthalten mit einer Sonde, die die Sequenz des genannten Polynukleotids gemäß SEQ ID No. 1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten DNA-Sequenz.

[0013] Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind geeignet als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA, um cDNA in voller Länge zu isolieren, die für Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase codieren und solche cDNA oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase Gens aufweisen.

[0014] Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind weiterhin als Primer zur Herstellung von DNA von Genen geeignet, die für Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase codieren, durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR).

[0015] Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Basenpaaren.

[0016] „Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

[0017] „Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA und DNA oder modifizierte RNA und DNA handeln kann.

[0018] Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren erhalten.

[0019] Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen das Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität der PEP-Carboxykinase und auch solche ein, die zu wenigstens 70 % identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, bevorzugt zu wenigstens 80 % und besonders solche, die zu wenigstens 90 % bis 95 % Identität zu dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

[0020] Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin und L-Threonin unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits die L-Aminosäuren produzieren und in denen die für das pck-Gen codierend(en) Nukleotidsequenz(en) abgeschwächt, insbesondere auf niedrigem Niveau exprimiert werden.

[0021] Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

[0022] Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Aminosäuren insbesondere Lysin und Threonin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung *Corynebacterium* handeln.

[0023] Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

[0024] Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum*, sind beispielsweise die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
 Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806
 Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
 Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
 5 Corynebacterium melassecola ATCC17965
 Brevibacterium flavum ATCC14067
 Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
 Brevibacterium divaricatum ATCC14020

- 10 und daraus hergestellte L-Aminosäure produzierende Mutanten bzw. Stämme,
 wie beispielsweise die Lysin produzierenden Stämme

Corynebacterium glutamicum FERM-P 1709
 Brevibacterium flavum FERM-P 1708
 15 Brevibacterium lactofermentum FERM-P 1712
 Corynebacterium glutamicum FERM-P 6463
 Corynebacterium glutamicum FERM-P 6464 und
 Corynebacterium glutamicum DSM5714 oder

- 20 wie beispielsweise die L-Threonin produzierenden Stämme

Corynebacterium glutamicum ATCC21649
 Brevibacterium flavum BB69
 Brevibacterium flavum DSM5399
 25 Brevibacterium lactofermentum FERM-BP 269
 Brevibacterium lactofermentum TBB-10
 Corynebacterium glutamicum MH20-22B-DR17.

- [0025] Den Erfindern gelang es, das neue, für das Enzym Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase (PEP-Carboxykinase) (EC 4:1:1:49) kodierende pck-Gen von *C. glutamicum* zu isolieren.
 30 [0026] Zur Isolierung des pck-Gens oder, auch anderer Gene von *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *E. coli* angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495 - 508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im *E. coli* K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde. Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326)) wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pHc79 (Hohn und Collins, Gene 11, 291-298 (1980)).
 40 [0027] Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide bzw. Plasmidvektoren wie beispielsweise pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)), pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268), pACYC177 (Chang und Cohen, Journal of Bacteriology 134, 1141-1156 (1978)) oder pSC101 (Cohen und Chang, Journal of Bacteriology 132, 734-737 (1977)) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind.
 45 [0028] Die Genbank wird anschließend in einen Indikatorstamm durch Transformation (Hanahan, Journal of Molecular Biology 166, 557-580, 1983) oder Elektroporation (Tauch et al., 1994, FEMS Microbiological Letters, 123:343-347) eingebaut. Der Indikatorstamm zeichnet sich dadurch aus, daß er eine Mutation in dem interessierenden Gen besitzt, die einen detektierbaren Phänotyp hervorruft. Im Rahmen der vorliegenden Erfindung ist die von Goldie und Sanwal (Journal of Bacteriology 141: 1115-1121 (1980)) beschriebene *E. coli* Mutante HG4 von Bedeutung. Dieser Stamm trägt eine Mutation im pck-Gen, wodurch das Wachstum auf Succinat als alleiniger Kohlenstoffquelle stark beeinträchtigt wird. Durch Transformation mit einem das pck-Gen enthaltenden Vektor kann das Wachstum auf Succinat wiederhergestellt werden.
 50 [0029] Die mit Hilfe von Cosmiden oder anderen Vektoren klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend in Form kürzerer DNA-Fragmente in bekannte Plasmidvektoren subkloniert werden. Dadurch wird die Zuordnung des erfindungsgemäßen Gens zu einem spezifischen DNA-Abschnitt ermöglicht. Hierzu verwendet man aus dem Stand der Technik bekannte Plasmidvektoren wie z. B. pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder die von Barto-

lomé et al. (Gene 102, 75-78 (1991)) beschriebenen pSU-Vektoren. Vorzugsweise verwendet man jedoch Pendelvektoren, die sowohl in *Escherichia coli* als auch in *Corynebacterium glutamicum* replizieren, wie z. B. pZ1 (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554) oder pEK0 (Eikmanns et al., Gene 102 (1991)), um Untersuchungen in beiden Spezies durchführen zu können. Beispiele hierfür sind die Plasmide pEK-pckA (Figur 1) und pEK-pckB (Figur 2), die ausgehend von dem Plasmidvektor pEK0 hergestellt wurden und das erfindungsgemäße pck-Gen tragen.

[0030] Die auf diese Weise charakterisierten DNA-Abschnitte werden anschließend wiederum in gängige für die DNA-Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert. Alternativ können die langen in Cosmiden klonierten DNA-Abschnitte direkt in Sequenziervektoren subkloniert werden. Beispiele für derartige für die DNA-Sequenzierung geeignete Vektoren sind die Plasmide pGEM-5zf(-) oder pGEM-5zf(+) der Firma Promega Corporation (Promega Protocols and Application Guide, Second Edition, 1991, part number Y981, Promega Corporation, Madison, WI, USA).

[0031] Methoden zur DNA-Sequenzierung sind unter anderem bei Sanger et al. (Proceedings of the National of Sciences of the United States of America USA, 74:5463-5467, 1977) beschrieben.

[0032] Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z. B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232(1986)), dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) dem FASTA-Algorithmus von Pearson und Lipman (Proceedings of the National Academy of Sciences USA 85,2444-2448 (1988)) oder dem BLAST-Algorithmus von Altschul et al. (Nature Genetics 6, 119-129 (1994)) untersucht und mit den in öffentlich zugänglichen Datenbanken vorhandenen Sequenzenträgern verglichen werden. Öffentlich zugängliche Datenbanken für Nukleotidsequenzen sind beispielsweise die der European Molecular Biology Laboratories (EMBL, Heidelberg, Deutschland) oder die des National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA).

[0033] Auf diese Weise wurde die neue für das pck-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des pck-Genproduktes dargestellt.

[0034] Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Basenpaaren.

[0035] Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

[0036] Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Abschwächung des pck-Gens in verbesserter Weise L-Aminosäuren insbesondere Lysin und Threonin produzieren.

[0037] Zur Erzielung einer Abschwächung kann entweder die Expression des pck-Gens oder die katalytischen Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt bzw. ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.

[0038] Die Erniedrigung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung oder durch genetische Veränderung (Mutation) der Signalstrukturen der Genexpression erfolgen. Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann z. B. in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Boyd und Murphy (Journal of Bacteriology 170: 5949 (1988)), bei Voskuil und Chambliss (Nucleic Acids Research 26: 3548 (1998)), bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191 (1998)), bei Patek et al. (Microbiology 142: 1297 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990).

[0039] Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen, sind aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiele seien die Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Sugimoto et al. (Bioscience Biotechnology and Biochemistry 61: 1760-1762 (1997)) und Möckel („Die Threonindehydratase aus *Corynebacterium glutamicum*: Aufhebung der allosterischen Regulation und Struktur des Enzyms“, Berichte des Forschungszentrums Jülichs, Jül-2906, ISSN09442952, Jülich, Deutschland, 1994) genannt. Zusammenfassende Darstellungen können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986)

entnommen werden.

[0040] Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen, Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen (missense mutations) oder Nichtsinnmutationen (nonsense mutations) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen (frame shift mutations), die dazu führen, daß falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

[0041] Ein Beispiel für ein mutiertes pck-Gen ist das in Plasmid pK19mobsacBΔpck (Figur 3) enthaltene Δpck-Allel. Das Δpck-Allel enthält lediglich die 5'- und die 3'-Flanke des pck-Gens; ein 1071 bp langer Abschnitt der Kodierregion fehlt (Deletion). Dieses Δpck-Allel kann durch Integrationsmutagenese in coryneforme Bakterien eingebaut werden. Hierzu bedient man sich des oben angegebenen Plasmides pK19mobsacBΔpck, das in *C. glutamicum* nicht replizierbar ist. Nach Übertragung durch Konjugation oder Transformation und homologer Rekombination mittels eines ersten, Integration bewirkenden „cross over“-Ereignisses und eines zweiten, eine Excision bewirkenden „cross over“-Ereignisses im pck-Gen erreicht man den Einbau des Δpck-Allels und erzielt einen Totalverlust der Enzymfunktion in dem jeweiligen Stamm.

[0042] Anleitungen und Erläuterungen zur Integrationsmutagenese findet man beispielsweise bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9,84-87 (1991)) oder Peters-Wendisch et al. (Microbiology 144, 915-927 (1998)).

[0043] Beispiele für Aminosäure produzierenden Stämme coryneformer Bakterien mit abgeschwächtem pck-Gen sind der Lysin produzierende Stamm MH20-22BΔpck und der Threoninproduzierende Stamm DM368-2Δpck.

[0044] Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des pck-Gens eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges zu überexprimieren.

[0045] So kann beispielsweise für die Herstellung von L-Lysin

- gleichzeitig das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen überexprimiert werden (EP-B 0 197 335), oder
- gleichzeitig ein S-(2-Aminoethyl)-Cystein-Resistenz vermittelndes DNA-Fragment amplifiziert werden (EP-A 0 088 166).

[0046] So können beispielsweise für die Herstellung von L-Threonin

- gleichzeitig das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom-Gen (Peoples et al., Molecular Microbiology 2, 63-72 (1988)) oder die für eine "feed back resistente" Homoserin-Dehydrogenase kodierenden hom^{dr}- bzw. hom^{FBR} Allele (Archer et al., Gene 107, 53-59 (1991); Reinscheid et al., Journal of Bacteriology 173, 3228-3230 (1991)) überexprimiert werden.

[0047] Weiterhin kann es für die Produktion von L-Aminosäuren insbesondere Lysin und Threonin vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des pck-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: „Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms“, in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanz, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

[0048] Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch-Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Aminosäuren insbesondere L-Lysin und L-Threonin kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storch (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

[0049] Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedenener Mikroorganismen sind im Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology“ der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt,

Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

[0050] Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum der gewünschten L-Aminosäure gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

[0051] Folgender Mikroorganismus wurde bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- *Escherichia coli* Stamm DH5 α /pK19mobsacB Δ pck als DSM 13047

[0052] Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Asparaginsäure, L-Asparagin, L-Homoserin, L-Threonin, L-Isoleucin und L-Methionin mit coryneformen Bakterien, insbesondere der Herstellung von L-Lysin und L-Threonin.

Beispiele

[0053] Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

[0054] Zu diesem Zweck wurden unter anderem Versuche mit dem Lysin-Produzenten *Corynebacterium glutamicum* Stamm MH20-22B und dem Threonin-Produzenten *Brevibacterium flavum* Stamm DM368-2 durchgeführt. Stamm MH20-22B ist als DSM5715 (EP-B-0435 132) und Stamm DM368-2 als DSM5399 (EP-B- 0385 940) bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt.

Beispiel 1

Isolierung des pck-Gens

[0055] Zur Isolierung des PEP-Carboxykinase-Gens (pck) aus *C. glutamicum* wurde basierend auf dem Cosmid pH79 (Hohn und Collins, Gene 11 (1980) 291-298) eine Cosmid-Genbank nach bekannter Methodik (Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) angelegt. Dazu wurde aus *C. glutamicum* ATCC13032 chromosomale DNS isoliert (Eikmanns et al., Microbiology 140 (1994) 1817-1828) und mit dem Restriktionsenzym Sau3A partiell verdaut. Nach Ligation der erhaltenen Fragmente in die BamHI-Schnittstelle des Cosmids pH79 wurde der Ansatz in die Proteinhülle des Bakteriophagen Lambda verpackt und der *E. coli*-Stamm ED8654 (Murray et al. Molecular and General Genetics 150 (1997) 53-61) damit transfiziert. Die Verpackung der rekombinanten Cosmide in die Proteinhülle des Phagen Lambda erfolgte nach einer Methode von Sternberg et al. (Gene 1 (1979) 255-280), die Transfektion von *E. coli* ED8654 nach einer Methode von Sambrook et al. (Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press). Aus insgesamt 30 der erhaltenen rekombinanten *E. coli*-Klone wurden die entsprechenden Cosmide isoliert (Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) und einer Restriktionsanalyse mit dem Enzym HindIII unterzogen. Es zeigte sich, daß 24 der untersuchten Cosmide Inserts besaßen, und daß die Inserts Größen von ungefähr 35 kb aufwiesen. Insgesamt 2200 Cosmidtragende *E. coli*-Klone wurden vereinigt und aus diesem Gemisch nach bekanntem Verfahren (Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) die Cosmid-DNA präpariert.

[0056] Zur Isolierung des pck-Gens aus *C. glutamicum* wurde die Cosmid-Genbank in die PEP-Carboxykinase-defekte *E. coli*-Mutante HG4 (Goldie and Sanwal, Journal of Bacteriology 141 (1980) 115-1121) nach bekanntem Verfahren (Sambrook et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press)

transformiert. Die Mutante HG4 ist aufgrund ihres PEP-Carboxykinase-Defektes nicht mehr in der Lage, auf Succinat als einziger Kohlenstoffquelle zu wachsen. Nach Transformation der Cosmid-Genbank in diese Mutante wurden insgesamt 1200 Klone erhalten. Von diesen zeigten insgesamt zwei Klone Wachstum auf M9-Minimalmedium (Sambrock et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) mit Succinat (0.4%) als einziger Kohlenstoffquelle. Nach Isolierung der entsprechenden Cosmide (Sambrock et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) aus diesen Klonen und erneuter Transformation in die E. coli-Mutante HG4 waren die resultierenden Klone erneut in der Lage, auf M9-Medium mit Succinat als einziger Kohlenstoffquelle zu wachsen.

[0057] Um das pck-Gen aus C. glutamicum auf einem kleineren Fragment einzugrenzen, wurden die zwei kompletierenden Cosmide mit den Restriktionsenzymen XhoI, ScaI und PvuII verdaut und nach bekannter Methode (Sambrock et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) auf einem 0,8%igen Agarosegel im elektrischen Feld aufgetrennt. Fragmente im Größenbereich über 3,0 kb wurden durch Elektrophorese (Sambrock et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) aus dem Gel isoliert und in die SalI (XhoI-Verdau), bzw. in die Klenow-behandelte EcoRI-Schnittstelle (ScaI- und PvuII-Verdau) des Vektors pEK0 (Eikmanns et al., Gene 102 (1991) 93-98) ligiert. Mit den Ligationsansätzen wurde E. coli HG4 transformiert und die erhaltenen Transformanten erneut auf ihre Fähigkeit untersucht, auf Succinat als alleiniger Kohlenstoffquelle zu wachsen. In dem Transformationsansatz mit dem PvuII-Ligationsansatz zeigten sich sieben Klone, deren Plasmide der Mutante HG4 Wachstum auf Succinat erlaubten. Aus den rekombinanten Stämmen wurden die entsprechenden Plasmide isoliert und einer Restriktionskartierung unterzogen. Es zeigte sich, daß alle sieben Plasmide das gleiche 4,3-kb PvuII-Insert trugen, drei in der einen Orientierung, vier in der anderen. In Abhängigkeit von der Orientierung des Inserts im Vektor wurden die neu konstruierten Plasmide als pEK-pckA und pEK-pckB bezeichnet. Die Restriktionskarten beider Plasmide sind in Figur 1 und 2 dargestellt.

Beispiel 2

Sequenzierung des pck-Strukturgens und angrenzender Bereiche

[0058] Für die Sequenzierung wurde das circa 3.9 kb große EcoRI-Fragment aus pEK-pckA (dabei stammt eine EcoRI-Schnittstelle aus dem Vektor pEK0) nach bekannter Methode isoliert. Die überhängenden Enden des Fragmentes wurden mit Klenow-Polymerase zu glatten Enden aufgefüllt (Sambrock et al., Molecular Cloning, A Laboratory Handbook, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press) und in die EcoRV-Schnittstelle des Vektors pGEM-5Zf(+) (Promega Corporation, Madison, WI, USA) ligiert. Die Insertion des so erzeugten Plasmides wurde durch die Kettenabbruch-Sequenzierungsmethode (Sanger et al., Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 74 (1977) 5463-5467) sequenziert. Sie ist als SEQ ID No. 1 dargestellt. Die erhaltene Nukleotidsequenz von 3935 bp wurde mit dem Programmpaket HUSAR (Release 3.0) des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ, Heidelberg, Deutschland) analysiert. Die Sequenzanalyse der Fragmente ergab ein offenes Leseraster von 1830 bp Länge, das für ein Protein bestehend aus 610 Aminosäuren kodiert.

Beispiel 3

Überexpression des pck-Gens

[0059] Durch Elektroporation mit nachfolgender Selektion auf Kanamycin (50 µg/ml) enthaltenden BHI-Agarplatten (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters 65 (1989) 299-304) wurden die Plasmide pEK-pckA und pEK-pckB in den C. glutamicum Stamm ATCC13032 eingeführt und die resultierenden Stämme als ATCC13032/pEK-pckA und ATCC13032/pEK-pckB bezeichnet. Diese beiden Stämme und der Ausgangsstamm wurden in Luria-Bertani-Komplexmedium [Sambrock et al., Molecular Cloning, A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press] gezüchtet und der PEP-Carboxykinase-Test entsprechend der Methode wie sie von Bente und Lardy [Journal of Biological Chemistry 251 (1976) 2916-2921] beschrieben wurde, durchgeführt. Das Ergebnis der Analyse ist in Tabelle 1 dargestellt und zeigt, daß die PEP-Carboxykinase-Aktivität in den beiden Stämmen mit den Plasmiden pEK-pckA bzw. pEK-pckB 10- bis 12-fach höher ist als im Ausgangsstamm.

Tabelle 1

| PEP-Carboxykinase-Aktivität in verschiedenen Stämmen | |
|--|--|
| Stamm | PEP-Carboxykinase (nmol min ⁻¹ mg Protein ⁻¹) |
| ATCC13032 | 120 |
| ATCC13032/pEK-pckA | 1270 |
| ATCC13032/pEK-pckB | 1510 |

Beispiel 4

Herstellung eines Integrationsplasmides für die Deletionsmutagenese des pck-Gens

[0060] Für die Inaktivierung des PEP-Carboxykinase-Gens wurde aus dem Vektor pEK-pckB (Figur 2) das EcoRI-SacI Fragment des pck-Gens isoliert und in den Vector pGEM-7Zf(+) (Promega Corporation, Madison, WI, USA) einligiert. Aus dem resultierenden Plasmid wurde ein pck-internes 1,07 kb HindII-HindIII-Fragment deletiert, anschließend das pck-Gen mit der 1,07-kb-Deletion als BfrI-SacI-Fragment isoliert und nach Auffüllen der überhängenden Enden in den in *C. glutamicum* nicht-replikativen Vektor pk19mobsacB (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)) ligiert. In dem so konstruierten Integrationsplasmid pk19mobsacBΔpck (Figur 3) grenzt der 5'-Bereich des pck-Gens (350 bp) direkt an den 3'-Bereich des pck-Gens (340 bp); im Genom sind die beiden Bereiche durch 1071 bp voneinander getrennt. Bis zu diesem Schritt wurden alle Klonierungen in *E. coli* DH5α als Wirt durchgeführt.

Beispiel 5

Deletionsmutagenese des pck-Gens in dem Lysin-Produzenten MH20-22B

[0061] Mit dem Integrationsplasmid pk19mobsacBΔpck wurde dann *E. coli* S17-1 transformiert (Simon et al., Bio/Technology 1,784-791 (1983)). Dieser Stamm ermöglicht den Transfer eines Plasmides nach *Corynebacterium glutamicum* durch Konjugation (Schäfer et al., Journal of Bacteriology 172 (1990) 1663-1666). Als Rezipient der Konjugation wurde der Lysinproduktionsstamm *C. glutamicum* MH20-22B verwendet (Schrumpf et al., Applied Microbiology and Biotechnology 37 (1992) 566-571)). Aus der Konjugation zwischen *E. coli* S17-1/pk19mobsacBΔpck und *C. glutamicum* MH20-22B und nachfolgenden Selektion auf Luria-Bertani-Agar-Platten mit Kanamycin (25 µg/ml) und Nalidixinsäure (50 µg/ml) wurden mehrere Transkonjuganten erhalten. Zur Selektion auf das zweite Rekombinationsereignis, das zur Excision des Vektors samt pck-Gen führen soll, wurden diese Transkonjuganten auf Antibiotika-freiem Luria-Bertani-Komplexmedium [Sambrook et al; Molecular Cloning, A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press] mit 1% Glucose kultiviert und dann auf dem gleichen Medium plus 10% Saccharose plattiert. Das auf dem Vektor pk19mobsacB vorhandene sacB-Gen kodiert für das Enzym Levansucrase und führt zur Synthese von Levan aus Saccharose. Da Levan für *C. glutamicum* toxisch ist, können nur *C. glutamicum* Zellen, die das Integrationsplasmid verloren haben, auf Saccharosehaltigem Medium wachsen (Jäger et al., Journal of Bacteriology 174 (1992) 5462-5466). 30 Saccharoseresistente Klone wurden auf ihre Kanamycin-Sensitivität hin überprüft. Für 11 der getesteten Klone konnte neben der Saccharose-Resistenz auch die gewünschte Kanamycin-Sensitivität bestätigt werden. In diesen 11 Klonen war also der Vektorhintergrund wieder excisiert. Ob auch die gewünschte Deletion erfolgt war, wurde durch Analyse mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) geprüft. Dafür wurde chromosomale DNA von einer Kolonie des Ausgangsstamms und von Kolonien der 11 Kanamycin-sensitiven Klone freigesetzt. Hierzu wurde die jeweilige Kolonie mit einem Zahnstocher von der Agarplatte abgenommen, in 50 µl H₂O suspendiert und 5 Minuten bei 95°C inkubiert. Jeweils 1 µl der erhaltenden Lösung wurden als Template in die PCR eingesetzt. Als Primer wurden Oligonukleotide verwendet, die die Bereiche von Nukleotid 2136 bis 2158 und von 3815 bis 3793 in der SEQ ID No. 1 abdecken. Die PCR-Bedingungen waren: Vorabdenaturierung: 150 Sekunden bei 94°C; Denaturierung 60 Sekunden bei 94°C; Hybridisierung 30 Sekunden bei 60°C; Amplifizierung 120 Sekunden bei 72°C; 30 Zyklen, End-Extension 240 Sekunden bei 72°C. Im Ansatz mit der DNA des Ausgangsstammes wurde aufgrund der gewählten Primer ein PCR-Produkt von 1,68 kb erwartet. In der PCR mit der pck-Deletionsmutante wurde ein PCR-Produkt von 0,61 kb erwartet. Bei einem Klon wurde ein 0,61 kb großes PCR-Produkt erhalten. Dadurch wurde die gewünschte Deletion des internen 1071 bp großen pck-Fragmentes bei diesem Klon nachgewiesen. Der Klon wurde als MH20-22BΔpck bezeichnet. In den Ansätzen der übrigen Klonen wurde das 1,68 kb PCR-Produkt nachgewiesen. In diesen war der Vektor also so excisiert, daß die genomische Ausgangssituation wieder hergestellt war.

[0062] Der Stamm MH20-22BΔpck und der Ausgangsstamm MH20-22B wurden in Luria-Bertani-Komplexmedium plus 1% Glucose angezogen und der PEP-Carboxykinase-Test wurde entsprechend der Methode, wie sie bei Bente and Lardy (Journal of Biological Chemistry 251 (1976) 2916-2921) beschrieben ist, durchgeführt. Das Ergebnis der Analyse (Tabelle 2) zeigt, daß in der Mutante MH20-22BΔpck im Gegensatz zum Ausgangsstamm MH20-22B keine PEP-Carboxykinase-Aktivität mehr nachweisbar ist.

Tabelle 2

| PEP-Carboxykinase-Aktivität in verschiedenen Stämmen | |
|--|--|
| Stamm | PEP-Carboxykinase (nmol min ⁻¹ mg Protein ⁻¹) |
| MH20-22B | 65 |
| MH20-22BΔpck | < 3 * |

* 3 nmol min⁻¹ mg Protein⁻¹ ist die Nachweisgrenze

Beispiel 6

Produktion von L-Lysin

[0063] Zur Untersuchung der Auswirkung der Inaktivierung des PEP-Carboxykinase-Gens auf die Lysinproduktion wurde der Stamm MH20-22B (Schrumpf et al., Applied Microbiology and Biotechnology 1992, 37:566-571) sowie die PEP-Carboxykinase-negative Mutante MH20-22BΔpck (Beispiel 5) in Luria-Bertani-Komplexmedium plus 1% Glucose kultiviert und das Fermentationsmedium CGXII (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology 1993, 175:5595-5603) aus den beiden Vorkulturen beimpft (5% Inokulum, Optische Dichte bei 600 nm circa 0,5). Das Medium enthielt zusätzlich 3 mM Leucin, da die beiden Stämme Leucin-auxotroph sind. Die Ansätze bestanden aus jeweils 60 ml Kultur, die in 500 ml-Erlenmeyer-Kolben mit Schikanen enthalten waren. Nach Kultivierung für 24 Stunden bei 28°C auf einem Rotations-schüttler vom Typ Certomat S/50 (Firma B. Braun Biotech International, Melsungen, Deutschland) bei 120 Upm wurde die Konzentration des in das Medium ausgeschiedenen Lysins bestimmt.

[0064] Die Bestimmung der Aminosäurekonzentration erfolgte mittels Hochdruckflüssigkeitschromatographie (Jones und Gilligan, Journal of Chromatography 1983, 266:471-482). Das Ergebnis der Fermentation ist in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3

| Lysinkonzentration im Kulturüberstand der Stämme MH20-22B und MH20-22BΔpck | |
|--|--------------|
| Stamm | L-Lysin (mM) |
| MH20-22B | 54 |
| MH20-22BΔpck | 65 |

Beispiel 7

Deletionsmutagenese des pck-Gens in dem Threonin-Produzenten DM368-2

[0065] Mit dem E. coli-Stamm S17-1/ pk19mobsacBΔpck wurde wie im Fall des Lysinproduzenten MH20-22B eine Konjugation mit dem Threoninproduzenten DM368-2 mit anschließender Selektion auf die erste und zweite Rekombination durchgeführt (siehe Beispiel 5). Von 30 Saccharose-resistenten Klonen waren 14 Kanamycin-sensitiv. Von diesen konnte in zweien, als DM368-2Δpck16 und DM368-2Δpck18 bezeichneten Klonen mit Hilfe der in Beispiel 5 beschriebenen PCR-Analyse die 1071 bp-Deletion im pck-Gen nachgewiesen werden.

[0066] Ein Enzymtest mit dem Ausgangsstamm DM368-2 und den beiden pck-Deletionsstämmen DM368-2Δpck16 und DM368-2Δpck18, durchgeführt wie in Beispiel 5 beschrieben, zeigte, daß in diesen Mutanten keine PEP-Carboxykinase-Aktivität nachweisbar ist (Tabelle 4).

Tabelle 4

| PEP-Carboxykinase-Aktivität in verschiedenen Stämmen | |
|--|--|
| Stamm | PEP-Carboxykinase (nmol min ⁻¹ mg Protein ⁻¹) |
| DM368-2 | 79 |
| DM368-2BΔpck16 | < 3 * |
| DM368-2BΔpck18 | < 3 * |

* 3 nmol min⁻¹ mg Protein⁻¹ ist die Nachweisgrenze

Beispiel 8

Produktion von L-Threonin

[0067] Analog zu den Experimenten zur L-Lysinproduktion wurde auch die Akkumulation von Threonin im Kulturüberstand des PEP-Carboxykinase-defekten Stammes DM368-2BΔpck16 im Vergleich mit dem Ausgangsstamm DM368-2 untersucht. Dazu wurden die beiden Stämme in Luria-Bertani-Komplexmedium plus 1% Glucose gezüchtet und das Fermentationsmedium CGXII aus den Vorkulturen beimpft. Nach Kultivierung für 24 Stunden bei 28°C auf dem Rotationsschüttler bei 120 Upm wurde die Konzentration des in das Medium ausgeschiedenen Threonins bestimmt.

[0068] Die Bestimmung der Aminosäurekonzentration erfolgte mittels Hochdruckflüssigkeitschromatographie (siehe oben). Das Ergebnis der Fermentation ist in Tabelle 5 dargestellt.

Tabelle 5

| Threoninkonzentration im Kulturüberstand der Stämme DM 368-2 und DM 368-2Δpck16 | |
|---|-----------------|
| Stamm | L-Threonin (mM) |
| DM368-2 | 8 |
| DM368-2Δpck16 | 22 |

Abbildungen

[0069] Folgende Figuren sind beigelegt:

- Figur 1: Restriktionskarte des Plasmides pEK-pckA
- Figur 2: Restriktionskarte des Plasmides pEK-pckB
- Figur 3: Restriktionskarte des Plasmides pk19mobsacBΔpck

[0070] Bei der Angabe der Basenpaarzahlen handelt es sich um ca.-Werte, die im Rahmen der Reproduzierbarkeit erhalten werden.

[0071] Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung:

sacB: sacB-Gen

ori V: Replikationsursprung V

ori T: Replikationsursprung für den Transfer

Km-r: Kanamycin Resistenz

KpnI: Schnittstelle des Restriktionsenzym KpnI

HindIII: Schnittstelle des Restriktionsenzym HindIII

| | | |
|----|---------|--|
| | HindII: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys HindII |
| | PstI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys PstI |
| 5 | SphI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys SphI |
| | XbaI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys XbaI |
| | Sall: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys Sall |
| 10 | SacI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys SacI |
| | BfrI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys BfrI |
| 15 | Scal: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys Scal |
| | BamHI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys BamHI |
| | EcoRI: | Schnittstelle des Restriktionsenzymys EcoRI |
| 20 | pck': | 3'-terminales Fragment des pck-Gens |
| | pck'': | 5'-terminales Fragment des pck-Gens |
| 25 | pck: | pck-Gen |

30

35

40

45

50

55

SEQUENZPROTOKOLL

5 <110> Degussa-Hüls AG
 Forschungszentrum Jülich GmbH
 <120> Neue für das pck-Gen codierende Nukleotidsequenzen.
 <130> 990110BT
 10 <140>
 <141>
 <160> 2
 <170> PatentIn Ver. 2.1
 15 <210> 1
 <211> 3935
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 20 <220>
 <221> CDS
 <222> (2022)..(3851)
 <400> 1
 25 ctggcagttc tcttaattga tcgcgggaat tctcagaaat agacattatt tgttattttt 60
 cctgttcaac tttaaaactt caatattcgt gagtttggat gaatccctag agcactacct 120
 tttagacctc tcgctgcaat ttaggccagt tgagatttaa gctttccgac gattcttctc 180
 30 attactgcaa tcgtaccggc gatggtggac acgatgacat gaaagagcat taaagcaatc 240
 aagtacaggc tgaagtagtt aaaccactcc actccggtgc tctgtgataa aaaatgcgca 300
 cccaaactca aagtgccaac tgggaaggta ctggcccacc atgtggggct gtatgtcgcc 360
 35 cctttgaaaa cagctctgta gaacacaaag tgagcgatgg ctcccagagg aatcgtaaaa 420
 attcccatga tgatgccgta aataatgcc attgtgattg ctgtcttgga tccaaaggac 480
 gcaccgatga gctgagctgc tgcagtggat tggcccacca taccxaaagg aatccatgat 540
 40 gttggtgttg ccatcagtgg gatgccctgc gccttggggc cgaaatagta gaaatacact 600
 cgggtaaaaa ctgctggtgc agacgccaaa gttaaaagga agagcccgaa agaaaccac 660
 agcatcgccg gaagttcaaa gtgctcatgg agttgtgctg ccgaggtgga agcaaccatc 720
 45 ggcgtgacaa gaggaagacc ccacgcaaaa gttggtgtgc ccgccttaga tcgcaaaatg 780
 gccgttatat ataaggaata ggcaacaagt cccacggctg tgccaataga ccagcacaca 840
 aacataaatc cccacagatc atcaccctaaa actacggggc ttgcagttcc caatgcgac 900
 50 aaacccatgg acagcattgc ccatgccggc atgacttcag ttttgaatga aggagagcgg 960
 tagattagcc aaccgccaat aatgacaatt gccaccacaa cagctaacgc gaagaagaaa 1020

55

tctgcgacga ctggaaaacc atggattttc aacagtgatg acaacaatga gatgcccacg 1080
 5 agggaaccag cccacgaggg gccaggtgga ggtaagaccg cagcgtagct tttggtcgaa 1140
 gaaggagtgg gcatgcccac tactttaagc ctttgaggca gtgaaaccgc taaatgggag 1200
 cgttggtgccc tgcatactg gtctagacct ttgggctcca aaagttgcaa tttcgcgaat 1260
 10 acttcaacac ttgtttgcaa tggttgtaa taaatgggtt cgctagtga tttgtgctt 1320
 agtactggcc gtcgtggtgg ggtcatgtat ttaggtaggg caaagttaag atcagagcac 1380
 tttttgatac gactaactgg atataacct tggggtaacg tggggatgtg tgtgagtaat 1440
 15 tttcaaagta tttaaaaggg ggatctaggg taaaaatttg gcttcaagta catatcttta 1500
 gttcggtagt tgagggcggg tggtagacgt gcgggcatgc atgtgagtgt aaatgttgtt 1560
 ttaaaaaggt gtgtactgac agtgggcccgg tttgtgctgg tcggccacta gcggagtgtt 1620
 20 tggattgtga tggcagggta agggaaaggg attaccatta ccgctgttct tggcgttttg 1680
 ttgcctattg tccgaatgtt aagtgttaat ggtgggaaaa ctgggaaagt tgtcccctgg 1740
 25 aatgtgtgag aattgcccaa atctgaaccc aatggccatg gacggggaat gaactgtcgg 1800
 agaacggttg aggttaattc ttgaaaccac ccccaaaata ggctatttaa acgggtgctc 1860
 tcatattaaa gaaagtgtgt agatgcgtgt gggcaggggg taggtccact ggtaatgaca 1920
 30 aatgtgtccg ttgtctcacc taaagtttta actagttctg tatctgaaag ctacgctagg 1980
 gggcgagaac tctgtcgaat gacacaaaat ctggagaagt a atg act act gct gca 2036
 Met Thr Thr Ala Ala
 1 5
 35 atc agg ggc ctt cag ggc gag gcg ccg acc aag aat aag gaa ctg ctg 2084
 Ile Arg Gly Leu Gln Gly Glu Ala Pro Thr Lys Asn Lys Glu Leu Leu
 10 15 20
 40 aac tgg atc gca gac gcc gtc gag ctc ttc cag cct gag gct gtt gtg 2132
 Asn Trp Ile Ala Asp Ala Val Glu Leu Phe Gln Pro Glu Ala Val Val
 25 30 35
 45 ttc gtt gat gga tcc cag gct gag tgg gat cgc atg gcg gag gat ctt 2180
 Phe Val Asp Gly Ser Gln Ala Glu Trp Asp Arg Met Ala Glu Asp Leu
 40 45 50
 gtt gaa gcc ggt acc ctc atc aag ctc aac gag gaa aag cgt ccg aac 2228
 Val Glu Ala Gly Thr Leu Ile Lys Leu Asn Glu Glu Lys Arg Pro Asn
 55 60 65
 50 agc tac cta gct cgt tcc aac cca tct gac gtt gcg cgc gtt gag tcc 2276
 Ser Tyr Leu Ala Arg Ser Asn Pro Ser Asp Val Ala Arg Val Glu Ser
 70 75 80 85
 55

EP 1 094 111 A2

| | | |
|----|---|------|
| 5 | cgc acc ttc atc tgc tcc gag aag gaa gaa gat gct ggc cca acc aac Arg Thr Phe Ile Cys Ser Glu Lys Glu Glu Asp Ala Gly Pro Thr Asn 90 95 100 | 2324 |
| 10 | aac tgg gct cca cca cag gca atg aag gae gaa atg tcc aag cat tac Asn Trp Ala Pro Pro Gln Ala Met Lys Asp Glu Met Ser Lys His Tyr 105 110 115 | 2372 |
| 15 | gct ggt tcc atg aag ggg cgc acc atg tac gtc gtg cct ttc tgc atg Ala Gly Ser Met Lys Gly Arg Thr Met Tyr Val Val Pro Phe Cys Met 120 125 130 | 2420 |
| 20 | ggt cca atc agc gat ccg gac cct aag ctt ggt gtg cag ctc act gac Gly Pro Ile Ser Asp Pro Asp Pro Lys Leu Gly Val Gln Leu Thr Asp 135 140 145 | 2468 |
| 25 | tcc gag tac gtt gtc atg tcc atg cgc atc atg acc cgc atg ggt att Ser Glu Tyr Val Val Met Ser Met Arg Ile Met Thr Arg Met Gly Ile 150 155 160 165 | 2516 |
| 30 | gaa gcg ctg gac aag atc ggc gcg aac ggc agc ttc gtc agg tgc ctc Glu Ala Leu Asp Lys Ile Gly Ala Asn Gly Ser Phe Val Arg Cys Leu 170 175 180 | 2564 |
| 35 | cac tcc gtt ggt gct cct ttg gag cca ggc cag gaa gac gtt gca tgg His Ser Val Gly Ala Pro Leu Glu Pro Gly Gln Glu Asp Val Ala Trp 185 190 195 | 2612 |
| 40 | cct tgc aac gac acc aag tac atc acc cag ttc cca gag acc aag gaa Pro Cys Asn Asp Thr Lys Tyr Ile Thr Gln Phe Pro Glu Thr Lys Glu 200 205 210 | 2660 |
| 45 | att tgg tcc tac ggt tcc ggc tac ggc gga aac gca atc ctg gca aag Ile Trp Ser Tyr Gly Ser Gly Tyr Gly Gly Asn Ala Ile Leu Ala Lys 215 220 225 | 2708 |
| 50 | aag tgc tac gca ctg cgt atc gca tct gtc atg gct cgc gaa gaa gga Lys Cys Tyr Ala Leu Arg Ile Ala Ser Val Met Ala Arg Glu Glu Gly 230 235 240 245 | 2756 |
| 55 | tgg atg gct gag cac atg ctc atc ctg aag ctg atc aac cca gag ggc Trp Met Ala Glu His Met Leu Ile Leu Lys Leu Ile Asn Pro Glu Gly 250 255 260 | 2804 |
| 60 | aag gcg tac cac atc gca gca gca ttc cca tct gct tgt ggc aag acc Lys Ala Tyr His Ile Ala Ala Ala Phe Pro Ser Ala Cys Gly Lys Thr 265 270 275 | 2852 |
| 65 | aac ctc gcc atg atc act cca acc atc cca ggc tgg acc gct cag gtt Asn Leu Ala Met Ile Thr Pro Thr Ile Pro Gly Trp Thr Ala Gln Val 280 285 290 | 2900 |
| 70 | gtt ggc gac gac atc gct tgg ctg aag ctg cgc gag gac ggc ctc tac Val Gly Asp Asp Ile Ala Trp Leu Lys Leu Arg Glu Asp Gly Leu Tyr 295 300 305 | 2948 |

EP 1 094 111 A2

5
gca gtt aac cca gaa aat ggt ttc ttc ggt gtt gct cca ggc acc aac 2996
Ala Val Asn Pro Glu Asn Gly Phe Phe Gly Val Ala Pro Gly Thr Asn
310 315 320 325

10
tac gca tcc aac cca atc gcg atg aag acc atg gaa cca ggc aac acc 3044
Tyr Ala Ser Asn Pro Ile Ala Met Lys Thr Met Glu Pro Gly Asn Thr
330 335 340

15
ctg ttc acc aac gtg gca ctc acc gac gac ggc gac atc tgg tgg gaa 3092
Leu Phe Thr Asn Val Ala Leu Thr Asp Asp Gly Asp Ile Trp Trp Glu
345 350 355

20
ggc atg gac ggc gac gcc cca gct cac ctc att gac tgg atg ggc aac 3140
Gly Met Asp Gly Asp Ala Pro Ala His Leu Ile Asp Trp Met Gly Asn
360 365 370

25
gac tgg acc cca gag tcc gac gaa aac gct gct cac cct aac tcc cgt 3188
Asp Trp Thr Pro Glu Ser Asp Glu Asn Ala Ala His Pro Asn Ser Arg
375 380 385

30
tac tgc gta gca atc gac cag tcc cca gca gca gca cct gag ttc aac 3236
Tyr Cys Val Ala Ile Asp Gln Ser Pro Ala Ala Ala Pro Glu Phe Asn
390 395 400 405

35
gac tgg gaa ggc gtc aag atc gac gca atc ctc ttc ggt gga cgt cgc 3284
Asp Trp Glu Gly Val Lys Ile Asp Ala Ile Leu Phe Gly Gly Arg Arg
410 415 420

40
gca gac acc gtc cca ctg gtt acc cag acc tac gac tgg gag cac ggc 3332
Ala Asp Thr Val Pro Leu Val Thr Gln Thr Tyr Asp Trp Glu His Gly
425 430 435

45
acc atg gtt ggt gca ctg ctc gca tcc ggt cag acc gca gct tcc gca 3380
Thr Met Val Gly Ala Leu Leu Ala Ser Gly Gln Thr Ala Ala Ser Ala
440 445 450

50
gaa gca aag gtc ggc aca ctc cgc cac gac cca atg gca atg ctc cca 3428
Glu Ala Lys Val Gly Thr Leu Arg His Asp Pro Met Ala Met Leu Pro
455 460 465

55
ttc att ggc tac aac gct ggt gaa tac ctg cag aac tgg att gac atg 3476
Phe Ile Gly Tyr Asn Ala Gly Glu Tyr Leu Gln Asn Trp Ile Asp Met
470 475 480 485

60
ggt aac aag ggt ggc gac aag atg cca tcc atc ttc ctg gtc aac tgg 3524
Gly Asn Lys Gly Gly Asp Lys Met Pro Ser Ile Phe Leu Val Asn Trp
490 495 500

65
ttc cgc cgt ggc gaa gat gga cgc ttc ctg tgg cct ggc ttc ggc gac 3572
Phe Arg Arg Gly Glu Asp Gly Arg Phe Leu Trp Pro Gly Phe Gly Asp
505 510 515

70
aac tct cgc gtt ctg aag tgg gtc atc gac cgc atc gaa ggc cac gtt 3620
Asn Ser Arg Val Leu Lys Trp Val Ile Asp Arg Ile Glu Gly His Val
520 525 530

EP 1 094 111 A2

5 ggc gca gac gag acc gtt gtt gga cac acc gct aag gcc gaa gac ctc 3668
Gly Ala Asp Glu Thr Val Val Gly His Thr Ala Lys Ala Glu Asp Leu
535 540 545

gac ctc gac ggc ctc gac acc cca att gag gat gtc aag gaa gca ctg 3716
Asp Leu Asp Gly Leu Asp Thr Pro Ile Glu Asp Val Lys Glu Ala Leu
550 555 560 565

10 acc gct cct gca gag cag tgg gca aac gac gtt gaa gac aac gcc gag 3764
Thr Ala Pro Ala Glu Gln Trp Ala Asn Asp Val Glu Asp Asn Ala Glu
570 575 580

15 tac ctc act ttc ctc gga cca cgt gtt cct gca gag gtt cac agc cag 3812
Tyr Leu Thr Phe Leu Gly Pro Arg Val Pro Ala Glu Val His Ser Gln
585 590 595

ttc gat gct ctg aag gcc cgc att tca gca gct cac gct taaagttcac 3861
Phe Asp Ala Leu Lys Ala Arg Ile Ser Ala Ala His Ala
600 605 610

20 gcttaagaac tgctaaataa caagaaaggc tcccaccgaa agtgggagcc tttcttgtcg 3921
ttaagcgatg aatt 3935

25 <210> 2
<211> 610
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

30 <400> 2
Met Thr Thr Ala Ala Ile Arg Gly Leu Gln Gly Glu Ala Pro Thr Lys
1 5 10 15
Asn Lys Glu Leu Leu Asn Trp Ile Ala Asp Ala Val Glu Leu Phe Gln
20 25 30

35 Pro Glu Ala Val Val Phe Val Asp Gly Ser Gln Ala Glu Trp Asp Arg
35 40 45

Met Ala Glu Asp Leu Val Glu Ala Gly Thr Leu Ile Lys Leu Asn Glu
50 55 60

40 Glu Lys Arg Pro Asn Ser Tyr Leu Ala Arg Ser Asn Pro Ser Asp Val
65 70 75 80

Ala Arg Val Glu Ser Arg Thr Phe Ile Cys Ser Glu Lys Glu Glu Asp
85 90 95

45 Ala Gly Pro Thr Asn Asn Trp Ala Pro Pro Gln Ala Met Lys Asp Glu
100 105 110

Met Ser Lys His Tyr Ala Gly Ser Met Lys Gly Arg Thr Met Tyr Val
115 120 125

50 Val Pro Phe Cys Met Gly Pro Ile Ser Asp Pro Asp Pro Lys Leu Gly
130 135 140

55

EP 1 094 111 A2

Val Gln Leu Thr Asp Ser Glu Tyr Val Val Met Ser Met Arg Ile Met
145 150 155 160

5 Thr Arg Met Gly Ile Glu Ala Leu Asp Lys Ile Gly Ala Asn Gly Ser
165 170 175

Phe Val Arg Cys Leu His Ser Val Gly Ala Pro Leu Glu Pro Gly Gln
180 185 190

10 Glu Asp Val Ala Trp Pro Cys Asn Asp Thr Lys Tyr Ile Thr Gln Phe
195 200 205

Pro Glu Thr Lys Glu Ile Trp Ser Tyr Gly Ser Gly Tyr Gly Gly Asn
210 215 220

15 Ala Ile Leu Ala Lys Lys Cys Tyr Ala Leu Arg Ile Ala Ser Val Met
225 230 235 240

Ala Arg Glu Glu Gly Trp Met Ala Glu His Met Leu Ile Leu Lys Leu
245 250 255

20 Ile Asn Pro Glu Gly Lys Ala Tyr His Ile Ala Ala Ala Phe Pro Ser
260 265 270

Ala Cys Gly Lys Thr Asn Leu Ala Met Ile Thr Pro Thr Ile Pro Gly
275 280 285

25 Trp Thr Ala Gln Val Val Gly Asp Asp Ile Ala Trp Leu Lys Leu Arg
290 295 300

Glu Asp Gly Leu Tyr Ala Val Asn Pro Glu Asn Gly Phe Phe Gly Val
305 310 315 320

30 Ala Pro Gly Thr Asn Tyr Ala Ser Asn Pro Ile Ala Met Lys Thr Met
325 330 335

Glu Pro Gly Asn Thr Leu Phe Thr Asn Val Ala Leu Thr Asp Asp Gly
340 345 350

35 Asp Ile Trp Trp Glu Gly Met Asp Gly Asp Ala Pro Ala His Leu Ile
355 360 365

Asp Trp Met Gly Asn Asp Trp Thr Pro Glu Ser Asp Glu Asn Ala Ala
370 375 380

40 His Pro Asn Ser Arg Tyr Cys Val Ala Ile Asp Gln Ser Pro Ala Ala
385 390 395 400

Ala Pro Glu Phe Asn Asp Trp Glu Gly Val Lys Ile Asp Ala Ile Leu
405 410 415

45 Phe Gly Gly Arg Arg Ala Asp Thr Val Pro Leu Val Thr Gln Thr Tyr
420 425 430

Asp Trp Glu His Gly Thr Met Val Gly Ala Leu Leu Ala Ser Gly Gln
435 440 445

50 Thr Ala Ala Ser Ala Glu Ala Lys Val Gly Thr Leu Arg His Asp Pro
450 455 460

55

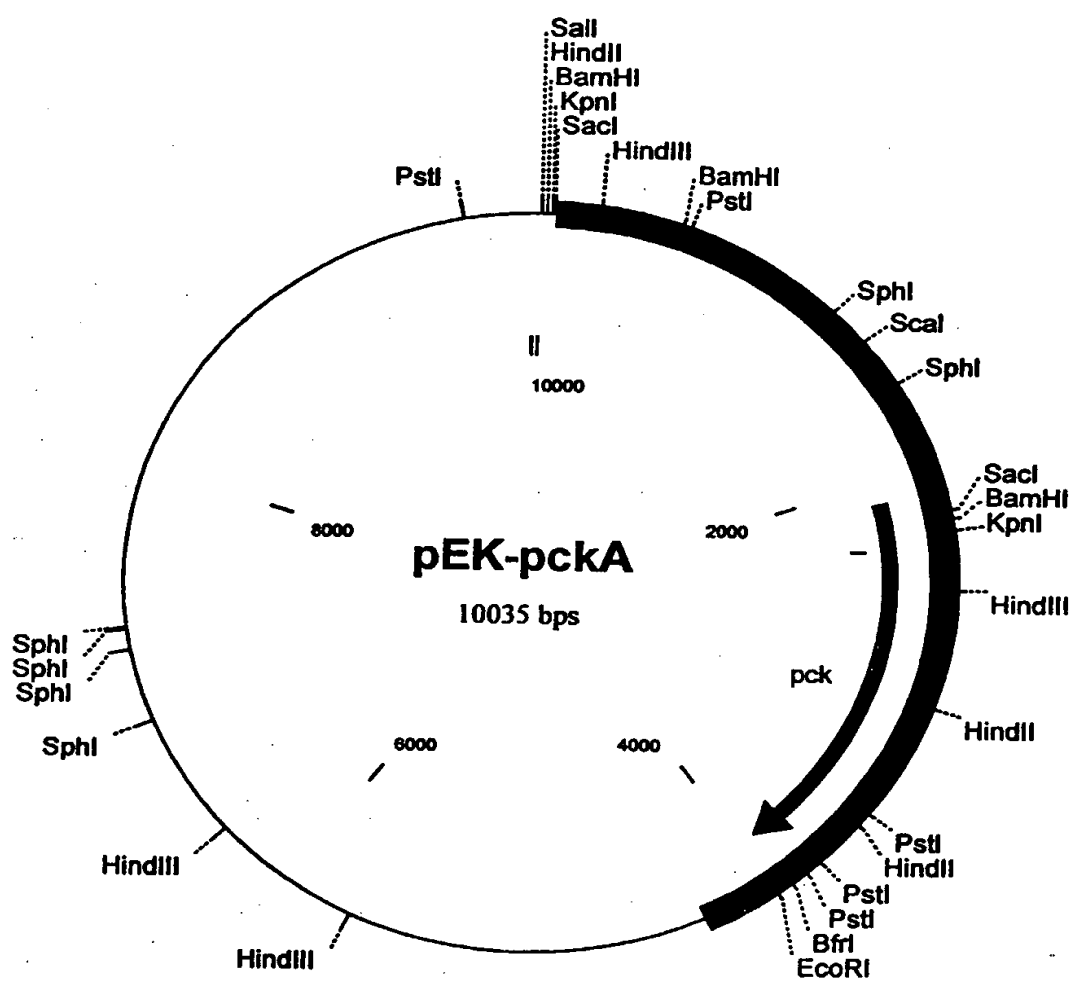
Met Ala Met Leu Pro Phe Ile Gly Tyr Asn Ala Gly Glu Tyr Leu Gln
 465 470 475 480
 5 Asn Trp Ile Asp Met Gly Asn Lys Gly Gly Asp Lys Met Pro Ser Ile
 485 490 495
 Phe Leu Val Asn Trp Phe Arg Arg Gly Glu Asp Gly Arg Phe Leu Trp
 500 505 510
 10 Pro Gly Phe Gly Asp Asn Ser Arg Val Leu Lys Trp Val Ile Asp Arg
 515 520 525
 Ile Glu Gly His Val Gly Ala Asp Glu Thr Val Val Gly His Thr Ala
 15 530 535 540
 Lys Ala Glu Asp Leu Asp Leu Asp Gly Leu Asp Thr Pro Ile Glu Asp
 545 550 555 560
 20 Val Lys Glu Ala Leu Thr Ala Pro Ala Glu Gln Trp Ala Asn Asp Val
 565 570 575
 Glu Asp Asn Ala Glu Tyr Leu Thr Phe Leu Gly Pro Arg Val Pro Ala
 580 585 590
 25 Glu Val His Ser Gln Phe Asp Ala Leu Lys Ala Arg Ile Ser Ala Ala
 595 600 605
 His Ala
 610
 30

35 Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - 40 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
 - b) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für das genannte Polypeptid codiert und auf dem Plasmid pEK-pckA (Abb. 1) bzw. pEK-pckB (Abb. 2) enthalten ist,
 - 45 c) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
 - d) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a), b) oder c), und
 - 50 e) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b), c) oder d).
2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1,
 - 55 wobei das Polynukleotid eine replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.

4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2,
enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, enthaltend
 - (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder
 - (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
 - (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und/oder gegebenenfalls
 - (v) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).
6. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 2, das
für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz in SEQ ID No. 2 darstellt, enthält.
7. Vektor pEK-pckA, dargestellt in Figur 1.
8. Vektor pEK-pckB, dargestellt in Figur 2.
9. Vektor pk19mobsacBΔpck, dargestellt in Figur 3 und hinterlegt in dem Stamm E.coli DH5α unter der Nummer DSM 13047
10. Als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die einen der Vektoren gemäß den Ansprüchen 6 bis 8 enthalten oder in die die Δpck-Deletion eingebaut wurde.
11. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Bakterien einsetzt, in denen man
 - a) das Polynukleotid gemäß Anspruch 1 abschwächt oder die Aktivität des Polypeptids herabsetzt, für das das genannte Polynukleotid codiert.
 - b) das gewünschte Produkt im Medium oder in den Zellen der Bakterien anreichert und
 - c) das Produkt isoliert
12. Verfahren gemäß Anspruch 12,
dadurch gekennzeichnet,
daß man Bakterien der Gattung Corynebacterium glutamicum einsetzt.
13. Verfahren gemäß Anspruch 12,
dadurch gekennzeichnet,
daß man die Abschwächung durch Integrationsmutagenese mit Hilfe des Plasmides pK19mobsacBΔpck, dargestellt in Figur 3 und hinterlegt als DSM 13047, erzielt.
14. Verfahren gemäß 12,
dadurch gekennzeichnet,
daß man für die Herstellung von L-Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gegebenenfalls
 - gleichzeitig das für das Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen überexprimiert, und/oder
 - gleichzeitig ein S-(2-Aminoethyl)-Cystein-Resistenz vermittelndes DNA-Fragment amplifiziert.
15. Verfahren gemäß Anspruch 12,
dadurch gekennzeichnet,
daß man für die Herstellung von L-Threonin Bakterien fermentiert, in denen man gegebenenfalls gleichzeitig das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom-Gen und/oder für eine „feed back resistente“ Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom^{dr}-bzw. hom^{FBR}-Allele überexprimiert.

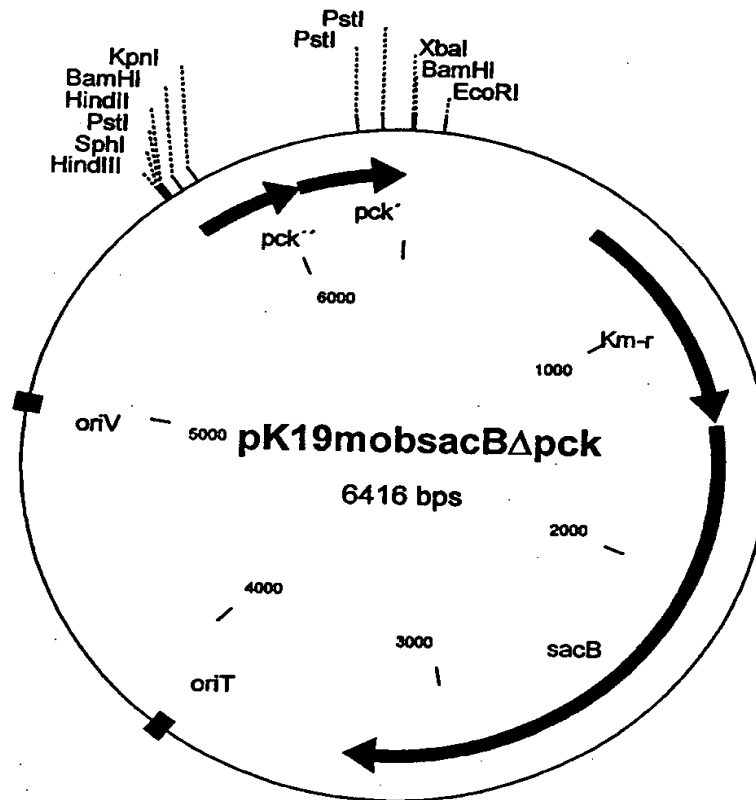
Figur 1:



... ..



Figur 3:



THIS PAGE BLANK (USPTO)